

SELECCIONES ASISTIDA POR MARCADORES Y FENOTÍPICA PARA MEJORAR RENDIMIENTO Y RESISTENCIA EN MAÍZ

L.F. Samayoa, A. Butrón, R.A. Malvar

Misión Biológica de Galicia (CSIC), Apdo. 28, 36080 Pontevedra

Palabras clave: Maíz, *Zea mays*, Selección, Taladro, *Sesamia nonagrioides*, Resistencia

INTRODUCCIÓN

En trabajos previos hemos constatado una correlación genética desfavorable entre el rendimiento del maíz (*Zea mays* L.) y la longitud de galerías (LG) en caña causadas por el lepidóptero *Sesamia nonagrioides* Lef., y se han identificado regiones del genoma donde se co-localizan QTLs para ambos caracteres (Ordás et al., 2010; Butrón et al., 2012). Por esta razón, en la población sintética EPS12, después de cinco ciclos de selección fenotípica por ambos caracteres se observó una pequeña disminución de la LG y un drástico y significativo descenso del rendimiento (Butrón et al., 2012). El objetivo de este trabajo ha sido comparar la eficiencia de la selección asistida por marcadores SAM *versus* SF a la hora de mejorar el comportamiento del maíz frente al ataque de *Sesamia nonagrioides*.

MATERIAL Y MÉTODOS

De un conjunto de 178 RILs obtenidas a partir de (EP39 x EP42) F₂, se escogieron cuatro RILs que presentaban la composición alélica más favorable para los QTLs para rendimiento y LG previamente identificados (Ordás et al., 2010). En años sucesivos se cruzaron estas RILs y el sintético resultante se recombinó para constituir la población SAM; y en ese proceso se fijaron los alelos favorables para los marcadores SSR que rodean cada QTL. Se consideraron alelos favorables aquellos con efecto positivo sobre rendimiento y los que tenían un efecto negativo sobre LG siempre que no tuvieran un efecto negativo sobre rendimiento. Simultáneamente, se escogieron las cuatro RILs con menor LG y se sometieron al mismo proceso de cruzamientos y recombinación y este material constituyó la población SF.

En 2012 y 2013, se evaluaron las poblaciones SAM, SF y la población original (EP39 x EP42) F₂ en un diseño de bloques al azar con tres repeticiones. Como la diversidad genética es mucho mayor en la población F₂, se ensayaron cinco parcelas de esta población en cada repetición. Los ensayos se hicieron bajo dos tratamientos distintos: infestación con huevos de *Sesamia* y protección con insecticida. Los caracteres que se tomaron fueron: floraciones femenina y masculina, altura de planta, humedad del grano, rendimiento y, en los ensayos bajo infestación, caracteres de resistencia como LG en la caña y daños en pedúnculo y grano. Se realizó un análisis de varianza en el que repeticiones y ambientes fueron aleatorios y se hicieron comparaciones de medias.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de varianza reveló diferencias significativas entre las tres poblaciones evaluadas (SAM, SF y F₂) para altura de planta, LG y rendimiento (Datos no mostrados). Ambas selecciones hicieron que se redujese significativamente la altura de la planta, aunque esta reducción fue mayor para la SF que para la SAM (Tabla 1); esta reducción es probable que se deba a la moderada correlación genética entre LG y altura de planta (Ordás et al., 2010). El rendimiento, en cambio, no se vio significativamente alterado por la SF, pero se vio significativamente mejorado

con la SAM. Por último, aunque la SF fue la única que hizo que las galerías fueran significativamente menores que las de la F₂, la SAM presentó un daño en caña no significativamente diferente del de la SF. Por lo tanto, la SAM se confirma como una excelente alternativa a la SF cuando se pretende mejorar el comportamiento del maíz frente al ataque del taladro porque permite mejorar el rendimiento y la resistencia que se obtiene no difiere de aquella obtenida haciendo selección fenotípica para LG.

AGRADEMIMIENTOS

Esta investigación ha sido financiada por un proyecto del Plan Nacional (AGL2012-33415). L.F. Samayoa agradece un contrato JAE-Predoc del CSIC.

REFERENCIAS

- Butrón, A., Romay, M.C., Peña-Asín, J., Alvarez, A. y Malvar, R.A. 2012. Genetic relationship between maize resistance to corn borer attack and yield. *Crop Science* 52:1176-1180.
- Ordás, B., Malvar, R.A., Santiago, R., Butrón, A. 2010. QTL mapping for Mediterranean corn borer resistance in European Flint germplasm using recombinant inbred lines and test-cross progenies. *BMC Genomics* 11:174-183.

Tabla 1. Comparación de medias entre las poblaciones de maíz obtenidas por selección asistida por marcadores (SAM), selección fenotípica (SF) y la F₂ de la que provienen estas selecciones para diversos caracteres evaluados en cuatro ambientes.

Población	Altura de planta (cm)	Longitud de galerías (cm)	Rendimiento (Mg ha ⁻¹)
F ₂	161 a	29.2 a	3.5 b
SAM	155 b	24.9 ab	4.0 a
SF	147 c	18.4 b	3.3 b

Poblaciones seguidas por la misma letra no difirieron significativamente (5 %).